



ID PAZIENTE	ID CAMPIONE	RACCOLTA	ANALISI	MATRICE	TARGET
P2359	C2749	2026-02-11	2026-02-18	Feci	Metagenomica · long-read

Analisi metagenomica del microbiota intestinale

SOGGETTO · DATI ANAGRAFICI

COGNOME	C
NOME	S
SESSO	Femmina
ETA '	47 anni
IMC	25.39 kg/m ² · sovrappeso lieve
DOCUMENTO	

AMBITO DELL'ANALISI · PANNELLI

PANNELLO 1	Micobioma (funghi)
PANNELLO 2	Elminti · Protozoi
PANNELLO 3	Viroma · Fagi
PANNELLO 4	Geni AMR
PANNELLO 5	Fattori di virulenza
PANNELLO 6	Elenco specie rilevate

METODO DI ESAME

Sequenziamento metagenomico shotgun (long-read)

L'analisi identifica componenti non batteriche del microbiota intestinale (funghi, elminti, protozoi, virus eucariotici e fagi) ed esegue lo screening di geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza, a partire dal DNA totale del campione. I valori indicano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati; l'assenza di rilevazione e' riportata come "non rilevato".

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



I.

SEZIONE 1 · MYCOBIOME

Micobioma – componente fungina

● SCREENING

Il micobioma rappresenta la frazione fungina del microbiota intestinale. Lo screening verifica la presenza o l'assenza del DNA delle specie fungine elencate.

13
ANALIZZATI

13
NON RILEVATI

0
RILEVATI

SPECIE	ESITO	STATO
Candida spp.	Non rilevato	NON RILEVATO
Saccharomyces	Non rilevato	NON RILEVATO
Cladosporium	Non rilevato	NON RILEVATO
Candida albicans	Non rilevato	NON RILEVATO
Penicillium	Non rilevato	NON RILEVATO
Geotrichum spp.	Non rilevato	NON RILEVATO
Microsporidium spp.	Non rilevato	NON RILEVATO
Rhodotorula spp.	Non rilevato	NON RILEVATO
Aspergillus	Non rilevato	NON RILEVATO
Cryptococcus	Non rilevato	NON RILEVATO
Malassezia	Non rilevato	NON RILEVATO
Saprochaete (Magnusiomyces)	Non rilevato	NON RILEVATO
Trichophyton	Non rilevato	NON RILEVATO

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



II.

SEZIONE 2 · HELMINTHS

Elminti (vermi intestinali)

● SCREENING

Gli elminti sono organismi pluricellulari che possono coabitare con il microbiota intestinale. Lo screening ne verifica la presenza o l'assenza nel campione.

5

ANALIZZATI

5

NON RILEVATI

0

RILEVATI

SPECIE	ESITO	STATO
<i>Ancylostoma duodenale</i>	Non rilevato	NON RILEVATO
<i>Ascaris lumbricoides</i>	Non rilevato	NON RILEVATO
<i>Necator americanus</i>	Non rilevato	NON RILEVATO
<i>Trichuris trichiura</i>	Non rilevato	NON RILEVATO
<i>Taenia spp.</i>	Non rilevato	NON RILEVATO

IV.

SEZIONE 4 · EUKARYOTIC VIROME

Viroma eucariotico

● SCREENING

Il viroma eucariotico comprende virus che possono risiedere nell'intestino. Lo screening verifica la presenza o l'assenza del DNA dei virus elencati.

3

ANALIZZATI

3

NON RILEVATI

0

RILEVATI

SPECIE	ESITO	STATO
<i>Adenovirus 40/41</i>	Non rilevato	NON RILEVATO
<i>Cytomegalovirus</i>	Non rilevato	NON RILEVATO
<i>Epstein-Barr Virus</i>	Non rilevato	NON RILEVATO

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



III.

SEZIONE 3 · PROTOZOA
Protozoi

SCREENING

I protozoi sono microrganismi eucariotici unicellulari; molti sono commensali, altri potenzialmente patogeni. Lo screening ne verifica la presenza o l'assenza nel campione.

11

ANALIZZATI

11

NON RILEVATI

0

RILEVATI

SPECIE	ESITO	STATO
Blastocystis hominis	Non rilevato	NON RILEVATO
Chilomastix mesnili	Non rilevato	NON RILEVATO
Cyclospora spp.	Non rilevato	NON RILEVATO
Dientamoeba fragilis	Non rilevato	NON RILEVATO
Endolimax nana	Non rilevato	NON RILEVATO
Entamoeba coli	Non rilevato	NON RILEVATO
Entamoeba dispar	Non rilevato	NON RILEVATO
Pentatrichomonas hominis	Non rilevato	NON RILEVATO
Cryptosporidium	Non rilevato	NON RILEVATO
Entamoeba histolytica	Non rilevato	NON RILEVATO
Giardia	Non rilevato	NON RILEVATO

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



V.

SEZIONE 5 · BACTERIOPHAGES

Fagi (batteriofagi)

● RILEVATI

I fagi sono virus che infettano i batteri e partecipano alla regolazione delle popolazioni batteriche intestinali. Sono riportati con la rispettiva abbondanza relativa.

6

ANALIZZATI

2

NON RILEVATI

4

RILEVATI

FAMIGLIA / CLASSE	ABBONDANZA	ESITO	STATO
Caudoviricetes	3.2662%	Rilevato	RILEVATO
Microviridae	1.0157%	Rilevato	RILEVATO
Herelleviridae	0.0028%	Rilevato	RILEVATO
Inoviridae	0.0028%	Rilevato	RILEVATO
Demerecviridae	—	Non rilevato	NON RILEVATO
Phycodnaviridae	—	Non rilevato	NON RILEVATO

VI.

SEZIONE 6 · ANTIMICROBIAL RESISTANCE

Geni di resistenza antimicrobica (AMR)

● RILEVATI

Lo screening rileva geni che possono conferire resistenza a classi di antimicrobici. La sola presenza di geni AMR non implica un profilo di resistenza né un'infezione attiva.

10

CLASSI RILEVATE

aminoglycoside

cephalosporin

lincosamide

macrolide

monobactam

penicillin_beta-lactam

streptogramin

streptogramin_A

streptogramin_B

sulfonamide

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale è stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo né un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalità informative e non implicano diagnosi. L'analisi è eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



VII.

SEZIONE 7 · VIRULENCE FACTORS

Fattori di virulenza

● RILEVATI

I fattori di virulenza sono geni che possono contribuire alla capacita' di alcuni batteri di colonizzare o danneggiare l'ospite (adesione, acquisizione del ferro, sistemi di secrezione). I geni rilevati sono ricondotti dal database a *Escherichia coli*. La presenza di un gene non conferma vitalita' batterica ne' un'infezione attiva.

37

GENI RILEVATI

5

CATEGORIE FUNZIONALI

E. coli

ORIGINE DATABASE

CATEGORIA FUNZIONALE	GENI	ELENCO GENI	STATO
Acquisizione del ferro · enterobactina	14	fepA · fepB · fepC · fepD · fepE · fepG · fes · entA · entB · entC · entD · entE · entF · entS	RILEVATO
Adesione · fimbrie di tipo 1	8	fimB · fimC · fimD · fimE · fimF · fimG · fimH · fimI	RILEVATO
Adesione · fibre curli	7	csgA · csgB · csgC · cgsD · cgsE · cgsF · cgsG	RILEVATO
Sistema di secrezione di tipo III · effettori	4	espX1 · espX4 · espX5 · espR1	RILEVATO
Invasione	4	ibeB · ibeC · aslA · ompA	RILEVATO

● NOTA

Interpretazione del dato

Il referto riporta esclusivamente la presenza dei geni rilevati e la loro categoria funzionale. La valutazione del significato clinico e' demandata al servizio di supporto specialistico.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



VIII.

SEZIONE 8 · DETECTED TAXA

Elenco delle specie rilevate

• DATO GREZZO

Elementi rilevati dall'analisi metagenomica con relativa abbondanza relativa, in ordine decrescente. La frazione rilevata e' prevalentemente virale/fagica.

DOMINIO	CLASSE	SPECIE	ABBONDANZA %
Viruses	Caudoviricetes	Caudoviricetes sp.	3.26623
Viruses	—	Bacteriophage sp.	3.06742
Viruses	Malgrandaviricetes	Microviridae sp.	1.01571
—	—	uncultured prokaryote	0.54530
Viruses	Caudoviricetes	Crassvirales sp.	0.03290
Viruses	Caudoviricetes	Phage DP SC_2_H4_2017	0.02240
Viruses	Caudoviricetes	Siphoviridae sp. ctzto35	0.01890
Viruses	Caudoviricetes	Myoviridae sp. ctioD2	0.01050
Viruses	Caudoviricetes	Myoviridae sp. ct9Fw19	0.00840
Viruses	Caudoviricetes	Myoviridae sp. ctQ6D10	0.00770
Viruses	Caudoviricetes	Caudovirales sp. ctaix4	0.00350
Viruses	Caudoviricetes	Herelleviridae sp.	0.00280
Viruses	Faserviricetes	Inoviridae sp.	0.00280
Viruses	Caudoviricetes	Siphoviridae sp. ctfrT39	0.00280
Viruses	Caudoviricetes	Lahndsivirus rarus	0.00140

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato ISO 9001:2015. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.



IX.

SEZIONE 9 · SCREENING SUMMARY

Sintesi degli screening

● QUADRO COMPLESSIVO

4

PANNELLI NEGATIVI

3

PANNELLI CON RILEVAZIONI

● SINTESI

Esiti complessivi dello screening metagenomico

Screening **negativo** (nessun elemento rilevato) per microbioma, elminti, protozoi e viroma eucariotico.

Rilevati: fagi batterici (prevalenza di Caudoviricetes), classi multiple di geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza ricondotti a *Escherichia coli*. I valori riportati sono di laboratorio; la presenza di geni AMR o di virulenza non implica resistenza o infezione attiva.

FINE REFERTO · FM26777

Le informazioni contenute nel presente documento hanno finalita' informative e non costituiscono diagnosi. Per qualsiasi utilizzo in ambito clinico, discutere il referto con il professionista di riferimento. C S · ID P2359 · Campione C2749 · Emissione 27.02.2026 · Laboratorio certificato ISO 9001:2015.

Metodologia · Nota Tecnica · Disclaimer: Sequenziamento metagenomico shotgun long-read — piattaforma Oxford Nanopore. Il DNA totale e' stato estratto dal campione fecale e sequenziato con tecnologia long-read; le sequenze sono state confrontate con database curati per l'identificazione di funghi, elminti, protozoi, virus, fagi, geni di resistenza antimicrobica e fattori di virulenza. Il test rileva DNA dell'elemento menzionato, non la presenza dell'organismo vivo ne' un'infezione attiva. Le informazioni qui riportate hanno finalita' informative e non implicano diagnosi. L'analisi e' eseguita presso laboratorio certificato **ISO 9001:2015**. I risultati rappresentano l'abbondanza relativa degli elementi rilevati. Qualsiasi utilizzo clinico deve avvenire nell'ambito di una valutazione professionale qualificata.